

JP07075579A

MicroPatent Report

DNA FRAGMENT CONTAINING GENE CODING DIAMINOPIMERIC ACID DECARBOXYLASE AND UTILIZATION THEREOF

[71] Applicant: MITSUBISHI CHEM

[72] **Inventors:** MADORI MIWA;
KOBAYASHI MIKI;
YUGAWA HIDEAKI

[21] Application No.: JP05223502

[22] Filed: 19930908

[43] Published: 19950320

[Go to Fulltext](#)

[57] Abstract:

PURPOSE: To obtain the DNA fragment containing a gene coding diaminopimelic acid decarboxylase from *Brevibacterium-flavum*, and capable of transforming a Coryne type bacteria to produce useful products such as L-lysine, etc., in a high efficiency.

CONSTITUTION: A novel DNA fragment expressed by formula, etc., containing a gene coding diaminopimelic acid decarboxylase (EC-4. 1. 1. 20), derived from a *Brevibacterium-flavum* [e.g. *Brevibacterium-flavum* MJ- 233 (FERM-BP-1497), etc.]. The enzyme is obtained as a form of an objective DNA fragment, by culturing *Brevibacterium-flavum* MJ-233 until the logarithmic growth phase, collecting the microbial cells, suspending them in a buffer solution, subjecting them to bacteriolysis with a lysozyme, a protease and a surface active agent, etc., collecting genes from the bacteriolytic solution by a conventional procedure, treating the genes with a restriction enzyme, and cloning a DNA coding diaminopimelic acid decarboxylase.

[51] Int'l Class: C12N01509 C12N00121 C12N01509 C12R00113
C12N00121 C12R00115



(19)日本国特許庁 (JP)

(12) 公開特許公報 (A)

(11)特許出願公開番号

特開平7-75579

(43)公開日 平成7年(1995)3月20日

(51)Int.Cl. C 12 N 15/09 1/21 // (C 12 N 15/09	識別記号 ZNA 7236-4B	府内整理番号 9050-4B	F I C 12 N 15/00 (C 12 N 15/00	技術表示箇所 ZNA A ZNA A
審査請求 未請求 請求項の数 7 OL (全 13 頁) 最終頁に続く				

(21)出願番号 特願平5-223502	(71)出願人 000006057 三養油化株式会社 東京都千代田区丸の内二丁目5番2号
(22)出願日 平成5年(1993)9月8日	(72)発明者 真島 美輪 茨城県稻敷郡阿見町中央8丁目3番1号 三養油化株式会社筑波総合研究所内
	(72)発明者 小林 幹 茨城県稻敷郡阿見町中央8丁目3番1号 三養油化株式会社筑波総合研究所内
	(72)発明者 湯川 英明 茨城県稻敷郡阿見町中央8丁目3番1号 三養油化株式会社筑波総合研究所内
	(74)代理人 弁理士 曽我 道照 (外6名)

(54)【発明の名称】 ジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を含むDNA断片およびその利用

(57)【要約】

【構成】 プレビパクテリウム・フラバムM J-233の染色体DNAから得られ、ジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を含むDNA断片、該DNA断片を保有する組換えプラスミド、および該組換えプラスミドにより形質転換されたコリネ型細菌。

【効果】 該DNA断片が導入された組換えプラスミドにより形質転換されたコリネ型細菌を用いることで、従来よりも高効率にL-リジンを生産することができる。

【特許請求の範囲】

【請求項1】 ブレビバクテリウム・フラバム (Brevibacterium flavum) 由来のジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼ (EC 4.1.1.20) をコードする遺伝子を含むDNA断片。

【請求項2】 前記ブレビバクテリウム・フラバム (Brevibacterium flavum) がブレビバクテリウム・フラバム (Brevibacterium flavum) MJ-233である請求項1に記載のDNA断片。

【請求項3】 次のDNA塩基配列：

```

ATGGCTACAG TTGAAAATT CAATGAACCTT CCGCACACG TGTGGCCCCG CAATGCCGTG 60
CGCCAAGAAG ACGGGTGTG CACCTCGCT GGTGTCCTC TGCTGACCT CGCTGAAGAA 120
TACGGAACCC CACTGTTCTG AGTCGACGAG GACGATTCTC GTTCCCGCTG TCGGCACATG 180
GCTACCGCAT TCGGTGGACC AGGAATGTG CACTACGCAT CCAAAGCGTT CCTGACCAAG 240
ACCATTCCAC GTTGGGTTGA TGAAGAGGGG CTGGCACTGG ACATTGGCTC CATCAATGAA 300
CTGGGCATTG CCCTGGCTGC TGGTTCCCC GCGACCGTA TCACCCGCGCA CGGCAACAAAC 360
AAGGGCGTGG ACTTCCTCCG CGCGTTGGTT CAAAACCGTG TGGGACACGT GGTGCTGGAC 420
TCCGCACAGG AACTAGAACT GTTGGATTAC GTTGGCGCTG CTGAAGGCAA GATCCAGGAC 480
GTGTTGATCC GCGTAAAGCC AGGCATCGAA GCACACACCC ACGAGTTCAT CGCCACTAGC 540
CACGAAGACC AGAAGTTCGG ATTCTCCCTG GCATCCCGTT CGCATTGCGA AGCAGCAAAA 600
GCCGCCAACCA ACGCAGAAAA CCTGAACCTG GTTGGCCCTGC ACTGCCACGT TGGTTCCCAG 660
GTGTTCCAGC CGGAAGGCTT CAAGCTGGCA GCAGAACCGG TGTGGGCCT GTACTCACAG 720
ATCCACACGG AACTGGCGT TGCCCTTCTT GAACTGGATC TCGGTGGGGG ATACGGCATT 780
GCCTATAACCG CAGCTGAAGA ACCACTCAAC GTCGCAGAAG TTGCGCTCGA CCTGCTCACC 840
GCAGTCGGAA AAATGGCAGC GGAACTAGGC ATCGACCGAC CAACCGTGCT TGTGAGGCC 900
GGCCGCCCTA TCGCAGGCC CTCCACCGT ACCATCTACG AAGTCGGCAC CACCAAAGAC 960
GTCCACCGTAG ACGACGACAA AACCCGGCGT TACATCCCGG TGGACGGAGG CATGTCGGAC 1020
AACATCCGCC CAGCAGCTCA CGGCTCCGAA TACGACGCC CGCTAGTATC CGGCTTCGTC 1080
GAAGGAGAAC CAGTAAACAC CGCGATCGTGGT GGCTCCCACT CGGAATCCGG CGATATCCTG 1140
ATCAACGATG AAATCTACCC ATCTGACATC ACCAGGGCGG ACTTCCTTGC ACTCGCAGCC 1200
ACCGGCGCAT ACTGCTACGC CATGAGCTCC CGCTACAAACG CCTTCACACG GCGCCGCCGTC 1260
GTGTCGGTCC CGCGTGGAG CTCCCGCTC ATGCTGGAC CGAAACGCT CGACGACATC 1320
CTCTCATTAG AGGCA 1335

```

で表されるジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼ (EC 4.1.1.20) をコードする遺伝子を含むDNA断片。

【請求項4】 次のアミノ酸配列：

```

Met Ala Thr Val Glu Asn Phe Asn Glu Leu Pro Ala His Val Trp Pro
1 5 10 15
Arg Asn Ala Val Arg Gln Glu Asp Gly Val Val Thr Val Ala Gly Val
20 25 30
Pro Leu Pro Asp Leu Ala Glu Glu Tyr Gly Thr Pro Leu Phe Val Val
35 40 45
Asp Glu Asp Asp Phe Arg Ser Arg Cys Arg Asp Met Ala Thr Ala Phe
50 55 60
Gly Gly Pro Gly Asn Val His Tyr Ala Ser Lys Ala Phe Leu Thr Lys
65 70 75 80
Thr Ile Ala Arg Trp Val Asp Glu Glu Gly Leu Ala Leu Asp Ile Ala
85 90 95
Ser Ile Asn Glu Leu Gly Ile Ala Leu Ala Ala Gly Phe Pro Ala Ser
100 105 110
Arg Ile Thr Ala His Gly Asn Asn Lys Gly Val Asp Phe Leu Arg Ala
115 120 125
Leu Val Gln Asn Gly Val Gly His Val Val Leu Asp Ser Ala Gln Glu
130 135 140
Leu Glu Leu Leu Asp Tyr Val Ala Ala Gly Glu Gly Lys Ile Gln Asp
145 150 155 160

```

Val Leu Ile Arg Val Lys Pro Gly Ile Glu Ala His Thr His Glu Phe
 165 170 175
 Ile Ala Thr Ser His Glu Asp Gln Lys Phe Gly Phe Ser Leu Ala Ser
 180 185 190
 Gly Ser Ala Phe Glu Ala Ala Lys Ala Ala Asn Asn Ala Glu Asn Leu
 195 200 205
 Asn Leu Val Gly Leu His Cys His Val Gly Ser Gln Val Phe Asp Ala
 210 215 220
 Glu Gly Phe Lys Leu Ala Ala Glu Arg Val Leu Gly Leu Tyr Ser Gln
 225 230 235 240
 Ile His Ser Glu Leu Gly Val Ala Leu Pro Glu Leu Asp Leu Gly Gly
 245 250 255
 Gly Tyr Gly Ile Ala Tyr Thr Ala Ala Glu Glu Pro Leu Asn Val Ala
 260 265 270
 Glu Val Ala Ser Asp Leu Leu Thr Ala Val Gly Lys Met Ala Ala Glu
 275 280 285
 Leu Gly Ile Asp Ala Pro Thr Val Leu Val Glu Pro Gly Arg Ala Ile
 290 295 300
 Ala Gly Pro Ser Thr Val Thr Ile Tyr Glu Val Gly Thr Thr Lys Asp
 305 310 315 320
 Val His Val Asp Asp Asp Lys Thr Arg Arg Tyr Ile Ala Val Asp Gly
 325 330 335
 Gly Met Ser Asp Asn Ile Arg Pro Ala Leu Tyr Gly Ser Glu Tyr Asp
 340 345 350
 Ala Arg Val Val Ser Arg Phe Val Glu Gly Glu Pro Val Asn Thr Arg
 355 360 365
 Ile Val Gly Ser His Cys Glu Ser Gly Asp Ile Leu Ile Asn Asp Glu
 370 375 380
 Ile Tyr Pro Ser Asp Ile Thr Ser Gly Asp Phe Leu Ala Leu Ala Ala
 385 390 395 400
 Thr Gly Ala Tyr Cys Tyr Ala Met Ser Ser Arg Tyr Asn Ala Phe Thr
 405 410 415
 Arg Pro Ala Val Val Ser Val Arg Ala Gly Ser Ser Arg Leu Met Leu
 420 425 430
 Arg Arg Glu Thr Leu Asp Asp Ile Leu Ser Leu Glu Ala
 435 440 445

で表されるジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼ (EC 4.1.1.20) をコードする遺伝子を含むDNA断片。

【請求項5】 請求項1～4のいずれかひとつに記載のDNA断片が導入された組換えプラスミド。

【請求項6】 請求項1～4のいずれかひとつに記載のDNA断片と、コリネ型細菌内で複製増殖機能を司る遺伝子を含むDNA断片を保有する組換えプラスミド。

【請求項7】 請求項5～6のいずれかひとつに記載の組換えプラスミドにより形質転換されたコリネ型細菌。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【産業上の利用分野】 本発明は、ジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼ (EC 4.1.1.20) をコードする遺伝子を含むコリネ型細菌由来のDNA断片およびその利用に

関し、より詳しくは、ジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を含むブレビバクテリウム・フラバム (*Brevibacterium flavum*) 由来のDNA断片、該DNA断片を保有する組換えプラスミド、および該プラスミドにより形質転換されたコリネ型細菌に関する。

【0002】

【従来の技術】 ジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼ (EC 4.1.1.20) は、医薬や食品添加物として用いられるL-リジンの生合成に関与する工業的に有用な酵素である。ジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子としては、エシエリヒア・コリ (*Escherichia coli*) 由来の遺伝子 (J. Mol. Biol., 168, 321-331, 1983 参照)、およびコリネバクテリウム・グルタミカ

ム (*Corynebacterium glutamicum*) 由来の遺伝子 (Mol. Gener. Genet., 212, 105-111, 1988; Mol. Gener. Genet., 212, 112-119, 1988; Mol. Microbiol., 4(11), 1819-1830, 1990 参照) についての報告例はあるものの、本発明者らの知る限りでは、産業上重要な微生物であるブレビバクテリウム・フラバム (*Brevibacterium flavum*) 由来のジアミノビメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子についての報告例は見当たらない。

一方、従来提案されている微生物を用いるL-リジンの製造法では、L-リジンの蓄積等に限界があり、新たな観点から遺伝子工学的手法による菌株の改良も含め、L-リジンをより効率的に生成させる方法の提供が強く求められている。

【0003】

【発明が解決しようとする課題】本発明の目的は、コリネ型細菌に属するブレビバクテリウム・フラバム (*Brevibacterium flavum*) 由来のジアミノビメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を単離し、該遺伝子を同種であるコリネ型細菌に導入し、該コリネ型細菌を用いて新たな観点から効率的にL-リジンを製造することである。

【0004】

【課題を解決するための手段】本発明者らは上記目的を達成すべく鋭意研究を行った結果、コリネ型細菌染色体からジアミノビメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を含むDNA断片を単離し、該DNA断片を適当なベクタープラスミドに導入してコリネ型細菌を形質転換し、該形質転換されたコリネ型細菌がL-リジンの高生産能力を有することを見いだし、本発明を完成するに至った。即ち本発明は、(1) ブレビバクテリウム・フラバム (*Brevibacterium flavum*) 由来のジアミノビメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を含むDNA断片、(2) 該DNA断片を保有する組換えプラスミド、(3) 該組換えプラスミドにより形質転換されたコリネ型細菌、を提供するものである。本発明の上記DNA断片を用いることにより、コリネ型細菌内でジアミノビメリン酸デカルボキシラーゼを高生産し得るベクタープラスミドを造成することができ、このベクタープラスミドでコリネ型細菌を形質転換することにより、L-リジンを効率的に生産し得る工業的に有用なコリネ型細菌を育種することが可能である。かくして育種されたコリネ型細菌を用いてL-リジンを効率的に製造することができる。以下に、本発明についてさらに詳細に説明する。

【0005】

【本発明の具体的説明】本発明の、ジアミノビメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を含むDNA断片(以下これを「A断片」と略称することがある。)とは、L-リジンの前駆体であるmeso-ジアミノビメリン酸を脱炭酸してL-リジンを合成する酵素、即ちジアミ

ノビメリン酸デカルボキシラーゼ (EC 4.1.1.20) をコードする遺伝子DNAを含むDNA断片を意味する。

【0006】本発明のジアミノビメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を含むDNA断片はその塩基配列が決定された後においては合成することも可能であるが、通常は該酵素を生産する微生物から単離およびクローニングして取得可能であり、その供給源となる微生物としてはコリネ型細菌、例えばブレビバクテリウム・フラバム (*Brevibacterium flavum*) MJ-233 (FERM BP-1497) およびその由来株等が好適に用いられる。これら供給源微生物からA断片を調製するための基本的操作の1例を以下に示す。

【0007】A断片は上記コリネ型細菌、例えばブレビバクテリウム・フラバムMJ-233 (FERM BP-1497) 株の染色体DNA上に存在し、その染色体DNAを適当な制限酵素で切断して生じる切断断片の中から分離、取得することができる。まず、ブレビバクテリウム・フラバムMJ-233株の培養物から常法により染色体DNAを抽出し、該染色体DNAを適当な制限酵素、例えばSau3AIを用いて部分分解する。次に得られたDNA断片を、適当なマークー遺伝子を有するベクタープラスミド、例えばカナマイシン耐性遺伝子を有するpHSG298 (宝酒造製) に常法により挿入する。得られたベクタープラスミドを用い、通常の形質転換法、例えば塩化カルシウム法または電気パルス法等により適当な宿主細菌、例えばジアミノビメリン酸デカルボキシラーゼ遺伝子が欠損した大腸菌 (エシエリヒア・コリ) 変異株CGSC4345 [エシエリヒア・コリ ジェネティック・ストック・センター (*Escherichia coli* Genetic Stock Center) 、デパートメント・オブ・バイオロジー、エール・ユニバーシティ (Department of Biology, Yale University) : P.O.Box 6666 New-Haven, CT 06511-74, USA 保存株] を形質転換し、菌体を選択培地上で培養して形質転換株の有する組換えプラスミドのマークー遺伝子発現の有無により、形質転換株を分離、取得する。得られた形質転換株より、プラスミドDNAを常法、例えばアルカリ-SDS法等により抽出し、適当な制限酵素で切断する。得られたDNA断片を常法、例えばポリアクリルアミド電気泳動法等により解析することにより、前記プラスミドDNAに挿入されたブレビバクテリウム・フラバムMJ-233株由来のA断片を確認および取得することができる。

【0008】上記手法により得られるA断片の例としては、上記ブレビバクテリウム・フラバムMJ-233の染色体DNAを制限酵素Sau3AIにより部分分解して得られる、大きさ約1.5kbのDNA断片を挙げることができる。このジアミノビメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を含む大きさが約1.5kbのDNA断片を各種制限酵素により切断した際の、制限酵素認識部位数および切断断片の大きさを下記表1に示す。

す。
【0009】

【表1】

表 1

制限酵素	認識部位数	切断断片の大きさ (kb)
<u>Acc</u> I	2	0.2, 0.4, 0.9
<u>Sac</u> I	1	0.2, 1.3
<u>Sal</u> I	1	0.2, 1.3
<u>Pvu</u> II	1	0.6, 0.9
<u>Dra</u> II	1	0.4, 1.1

【0010】なお、本明細書において、制限酵素による「認識部位数」は、DNA断片またはプラスミドを、制限酵素の存在下で完全分解し、それらの分解物をそれ自体既知の方法に従い1%アガロースゲル電気泳動および4%ポリアクリルアミドゲル電気泳動に供し、分離可能な断片の数から決定した値を採用した。また、「切断断片の大きさ」およびプラスミドの大きさは、アガロースゲル電気泳動を用いる場合には、エシエリヒア・コリのラムダファージ(λ phage)のDNAを制限酵素Hind IIIで切断して得られる分子量既知のDNA断片の同一アガロースゲル上での泳動距離で描かれる標準線に基づき、また、ポリアクリルアミドゲル電気泳動を用いる場合には、エシエリヒア・コリのファイ・エックス174ファージ(φ x 174 phage)のDNAを制限酵素Hae IIIで切断して得られる分子量既知のDNA断片の同一ポリアクリルアミドゲル上での泳動距離で描かれる標準線に基づき、切断DNA断片又はプラスミドの各DNA断片の大きさを算出する。プラスミドの大きさは、切断断片それぞれの大きさを加算して求める。なお、各DNA断片の大きさの決定において、1 kb以上の断片の大きさについては1%アガロースゲル電気泳動によって得られる結果を採用し、約0.1 kbから1 kb未満の断片の大きさについては4%ポリアクリルアミドゲル電気泳動によって得られる結果を採用した。

【0011】一方、上記したプレビバクテリウム・フラバムM J-233の染色体DNAを制限酵素Sau 3 A Iを用いて部分分解することにより得られる大きさが約1.5 kbのDNA断片については、その塩基配列をプラスミドpUC118またはpUC119(宝酒造製)を用いるジデオキシヌクレオチド酵素法(dideoxychain termination method, Sanger, F.ら, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 74, p5463, 1977)により決定することができる。このようにして決定した上記大きさが約1.5 kbのDNA断片の塩基配列のオープン・リーディング・フレームの存在から決定したジアミノピメリレン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子は、445個のアミノ酸をコードする1335塩基対から構成されている。その塩基配列を後記配列表の配列番号: 1に示す。

【0012】配列番号: 1に示される塩基配列を包含し

てなる本発明のジアミノピメリレン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を含むDNA断片は、天然のコリネ型細菌染色体DNAから単離されたもののみならず、通常用いられるDNA合成装置、例えばアプライド・バイオシステムズ社製394型を用いて合成されたものであってもよい。また、配列番号: 1に示される塩基配列を包含してなる本発明のDNA断片は、ジアミノピメリレン酸デカルボキシラーゼをコードする機能を実質的に損なうことがない限り、塩基配列の一部の塩基が他の塩基で置換されていてもよく、あるいは新たに塩基が挿入されていてもよく、また一部の塩基が欠損または転位してもよく、これら誘導体のいずれもが、本発明のジアミノピメリレン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を含むDNA断片に包含されるものである。以上に詳述したジアミノピメリレン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を含む大きさ約1.5 kbのDNA断片の各種制限酵素による切断点地図を図1に示す。

【0013】本発明のジアミノピメリレン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を含むDNA断片(A断片)を適當なプラスミドベクター、例えば、コリネ型細菌内でプラスミドの複製増殖機能を司る遺伝子を少なくとも保有するプラスミドベクターに導入することにより、コリネ型細菌内でジアミノピメリレン酸デカルボキシラーゼを高発現する優れた組換えプラスミドを得ることができる。また、本発明のジアミノピメリレン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を発現させるためのプロモーターは、コリネ型細菌が保有する該遺伝子自身のプロモーターのみならず、コリネ型細菌内でジアミノピメリレン酸デカルボキシラーゼ遺伝子の転写を開始させ得るプロモーターであれば、原核生物に由来する天然または合成塩基配列であっても、その他のいかなる塩基配列であってもよい。

【0014】本発明のA断片を導入することができ、コリネ型細菌内でプラスミドの複製増殖機能を司る遺伝子を少なくとも保有するプラスミドベクターとしては、例えば、プラスミドpCRY30(特開平3-210184号公報)；プラスミドpCRY21, pCRY2KE, pCRY2KX, pCRY31, pCRY3KEおよびpCRY3KX(特開平2-276579号公報)；プラスミドpCR

Y 2 および p C R Y 3 (特開平1-191686号公報) ; プラスミド p A M 3 3 0 (特開昭58-67679号公報) ; プラスミド p H M 1 5 1 9 (特開昭58-77895号公報) ; プラスミド p A J 6 5 5 , p A J 6 1 1 および p A J 1 8 4 4 (特開昭58-192900号公報) ; プラスミド p C G 1 (特開昭57-134500号公報) ; プラスミド p C G 2 (特開昭58-35197号公報) ; プラスミド p C G 4 および p C G 1 1 (特開昭57-183799号公報) 等のプラスミドを例示することができる。これらの中でも、コリネ型細菌内でプラスミドの安定化機能を司る遺伝子を含むDNA領域およびコリネ型細菌内で複製増殖機能を司る遺伝子を含むDNA領域を保有するプラスミドが好ましく、例えば、プラスミド p C R Y 3 0 , p C R Y 2 1 , p C R Y 2 K E , p C R Y 2 K X , p C R Y 3 1 , p C R Y 3 K E , p C R Y 3 K X 等が好適に用いられる。

【0015】上記プラスミドベクター p C R Y 3 0 を調製する方法の1例を以下に示す。プレビバクテリウム・スタチオニス (*Brevibacterium stationis*) IFO12144 (FERM BP-2515) からプラスミド p B Y 5 0 3 (特開平1-95785号公報) DNAを常法により抽出し、これを制限酵素 Xba I で処理して、プラスミド複製増殖機能を司る遺伝子を含む大きさが約4.0 kbのDNA断片を切り出す。同様にして該プラスミドDNAを制限酵素 Eco R I および Kpn I で処理して、プラスミド安定化機能を司る遺伝子を含む大きさが約2.1 kbのDNA断片を切り出す。得られた2つのDNA断片をプラスミド p H S G 2 9 8 (宝酒造製) の Eco R I - Kpn I 部位および Sac I 部位にそれぞれ組込むことにより、プラスミド p C R Y 3 0 を調製することができる。

【0016】次に、上記プラスミドベクターへの本発明のA断片の導入は、例えば、プラスミドベクター中に1箇所だけ存在する制限酵素部位を該制限酵素で開裂し、そこに前記A断片および開裂したプラスミドベクターを必要に応じて S 1 ヌクレアーゼで処理して平滑末端とするか、または適当なアダプター-DNAの存在下にDNAリガーゼ処理で連結させることにより行うことができる。プラスミド p C R Y 3 0 への本発明のA断片の導入は、プラスミド p C R Y 3 0 を制限酵素 Bam H I で開裂させ、そこに前記ジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を含むDNA断片 (A断片) をDNAリガーゼで連結させることにより行うことができる。

【0017】かくして造成される本発明のA断片をプラスミド p C R Y 3 0 に導入した組換えプラスミドは、ジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼの高産生能力を有しておりL-リジンの製造に好適に利用することができる。本発明者らは、このプラスミドを“プラスミド p C R Y 3 0 - 1 y s A”と命名した。本プラスミド p C R Y 3 0 - 1 y s A の作製方法については、後記実施例3にて詳細に説明する。上記手法により造成される本発明

のジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を含むコリネ型細菌内で複製増殖可能なプラスミドを宿主微生物に導入し、該微生物を形質転換して得られる形質転換微生物を用いて安定して効率良くL-リジンを生産することができる。

【0018】本発明による上記組換えプラスミドで形質転換しうる宿主微生物としては、コリネ型細菌、例えば、プレビバクテリウム・フラバム M J - 2 3 3 (FERM BP-1497) 、プレビバクテリウム・フラバム M J 2 3 3 - A B - 4 1 (FERM BP-1498) 、プレビバクテリウム・フラバム M J 2 3 3 - A B T - 1 1 (FERM BP-1500) 、プレビバクテリウム・フラバム M J 2 3 3 - A B D - 2 1 (FERM BP-1499) 等が挙げられる。なお、上記 FERM BP-1498 の菌株は FERM BP-1497 の菌株を親株とした $D-\alpha$ -アミノ酪酸耐性を積極的に付与されたエタノール資化性微生物である (特公昭59-28398号公報参照)。また、FERM BP-1500 の菌株は FERM BP-1497 の菌株を親株とした $D-\alpha$ -アミノ酪酸トランスアミナーゼ高活性変異株である (特開昭62-51998号公報参照)。さらに、FERM BP-1499 の菌株は FERM BP-1497 の菌株を親株とした $D-\alpha$ -アミノ酪酸デアミナーゼ高活性変異株である (特開昭61-177993号公報参照)。

【0019】上記微生物の他に、プレビバクテリウム・アンモニアゲネス (*Brevibacterium ammoniagenes*) ATCC 6871、同 ATCC 13745、同 ATCC 13746、プレビバクテリウム・デバリカム (*Brevibacterium divaricatum*) ATCC 4020、プレビバクテリウム・ラクトファーメンタム (*Brevibacterium lactofermentum*) ATCC 13869、コリネバクテリウム・グルタミカム (*Corynebacterium glutamicum*) ATCC 31830等を宿主微生物として用いることができる。なお、宿主としてプレビバクテリウム・フラバム M J - 2 3 3 由来の菌株を用いる場合、本菌株の保有するプラスミド p B Y 5 0 2 (特開昭63-36787号公報参照) のために形質転換が困難な場合があるので、そのような場合には、本菌株よりプラスミド p B Y 5 0 2 を除去することが望ましい。プラスミド p B Y 5 0 2 を除去する方法としては、例えば、継代培養を繰り返すことにより自然に欠落させることも可能であるし、人為的に除去することも可能である [バクテリオロジカル・レビュー (Bacteriological Review)、第36巻、361頁、1972年参照]。上記プラスミド p B Y 5 0 2 を人為的に除去する方法の1例を以下に示す。

【0020】宿主菌プレビバクテリウム・フラバム M J - 2 3 3 の生育を不完全に阻害する濃度、例えば0.2 ~ 50 μ g/ml 濃度のアクリジンオレンジもしくはエチジウムプロミド等を含有する培地に1ml当たり約10菌体の密度で該宿主菌を植菌し、その生育を不完全に阻害しながら約35°Cで約24時間培養する。この培養液を希釈して寒天培地に塗布し、約35°Cで約2日間培養する。得られたコロニーから各々独立にプラスミド抽出

操作を行ない、プラスミド pBY502 が除去されている株を選抜する。この一連の操作により、プラスミド pBY502 が除去されたプレビバクテリウム・フラバム MJ-233 由来株が得られる。

【0021】上記コリネ型細菌への前記組換えプラスミドの形質転換法としては、エシエリヒア・コリ (*E. coli*) およびエルビニア・カロトボラ (*Erwinia carotovora*) について知られているように [エヌ・エム・カルビン (N.M.Calvin) およびピー・シー・ハナワルト (P.C. Hanawalt) 、ジャーナル・オブ・バクテリオロジー (Journal of Bacteriology) 170巻、2796頁、1988年; ケー・イトウ (K.Ito) ら、アグリカルチュラル・アンド・バイオロジカル・ケミストリー (Agricultural and Biological Chemistry)、52巻、293頁、1988年 参照]、DNA 受容菌にパルス波を通電する方法 [ワイ・サトウ (Y. Satoh) ら、ジャーナル・オブ・インダストリアル・マイクロバイオロジー (Journal of Industrial Microbiology)、5巻、159頁、1990年] 等を利用することができる。

【0022】上記の方法で形質転換して得られるジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼ高産生能を有するコリネ型細菌、例えばプレビバクテリウム・フラバム MJ-233 由来株の培養方法を、以下に述べる。得られた形質転換コリネ型細菌は、炭素源、窒素源、無機非金属または金属塩、ビタミン類等、該細菌の増殖に必要かつ十分な栄養成分を含有する培地を用いて、適当な好気、温度、pH 条件の下に培養することができる。培地に含有される栄養成分は、培養の開始時に全て添加することもできるし、また培養の進展に伴い逐次または連続的に添加することもできる。

【0023】培地中の炭素源としては、例えば、グルコース、グリセロール、フルクトース、シュクロース、マルトース、澱粉加水分解物、糖蜜等の炭水化物；コハク酸、フマル酸、酢酸、乳酸等の有機酸；エタノール、メタノール等のアルコール類の中から培養対象細菌が資化可能な炭素源を選択して、単独でまたは組合せて用いることができる。培養開始時の炭素源濃度は 1～5 容量 % であることが好ましく、さらに好ましくは 2～3 容量 % である。窒素源としては、例えば、アンモニアまたは塩化アンモニウム、硫酸アンモニウム、炭酸アンモニウム、硝酸アンモニウム、酢酸アンモニウム等の各種無機あるいは有機アンモニウム塩類；尿素等の他の無機含窒素化合物；グルタミン酸等のアミノ酸類；ペプトン、肉エキス、酵母エキス、カゼミノ酸、コーンスチーピリカ一等の含窒素天然栄養源等を用いることができる。

【0024】無機非金属塩または金属塩としては、リン酸一水素カリウム、リン酸二水素カリウム、硫酸アンモニウム、硫酸第一鉄、塩化マグネシウム、硫酸マグネシウム、塩化マンガン、硫酸マンガン等を用いることができる。ビタミン類としてはビオチン、チアミンなどを必

要に応じて用いるが、含窒素天然栄養源の中にはこれらのビタミン類を含有するものがあるので、これをもってビタミン類の代替とすることも可能である。培養は通常、振盪培養、通気攪拌培養等の好気条件下で行なう。培養温度は一般に約 20～40°C、好ましくは約 25～35°C に、培地の pH は 5～10、好ましくは 7～8 の中性付近に、それぞれ維持することが好ましい。培地の pH 調整は、適当な酸またはアルカリを添加して行なうことができる。培養期間は通常 1～7 日間とすることができる。培養菌体は、培養終了後に遠心分離、膜分離等の適当な手段で培養液から分離回収することができる。

【0025】上記手法で得られる培養物または培養物から得られる菌体を用いて、発酵法または酵素法により L-リジンを製造することができる。次に実施例により本発明をさらに具体的に説明する。当然ながら、下記実施例は本発明について具体的な認識を得る一助としてのみ挙げたものであり、本発明の範囲を何ら限定するものではない。

【0026】

【実施例】

実施例 1

ジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を含むプレビバクテリウム・フラバム MJ-233 由来の DNA 断片 (A 断片) のクローニング

(A) プレビバクテリウム・フラバム MJ-233 の全 DNA の抽出

半合成培地 A 培地 [組成：尿素 2 g、硫酸アンモニウム 7 g、リン酸一カリウム 0.5 g、リン酸二カリウム 0.5 g、MgSO₄・7H₂O 0.5 g、MnSO₄・4～6H₂O 6 mg、FeSO₄・7H₂O 6 mg、酵母エキス 2.5 g、カゼミノ酸 5 g、ビオチン 200 μg、塩酸チアミン 100 μg、グルコース 20 g を蒸留水に溶解して 1 l とする] 1 l を用いてプレビバクテリウム・フラバム MJ-233 (FERM BP-1497) を対数増殖期後期まで培養し、培養菌体を回収した。得られた菌体を、リゾチームを 10 mg/ml の濃度で含有する溶液 [組成：10 mM NaCl、20 mM トリス緩衝液 (pH 8.0)、1 mM EDTA・2 Na] 15 ml に懸濁した。続いて最終濃度 100 μg/ml 量のプロテナーゼ K を添加し、37°C で 1 時間インキュベートした。さらに最終濃度 0.5% 量のデシル硫酸ナトリウムを添加し、50°C で 6 時間インキュベートして溶菌した。この溶菌液に、等量のフェノール／クロロホルム溶液 (1 : 1, v/v) を添加し、室温で 10 分間穏やかに振盪した後、全量を 10～12°C で 20 分間、5,000 × g の遠心分離にかけ、その上清液分を分取した。酢酸ナトリウムをその最終濃度が 0.3 M となるように該画分に添加し、次いで 2 倍量のエタノールを穏やかに添加した。水層とエタノール層との間に存在する DNA をガラス棒で掻め取り、これを 70% エタノールで洗浄

した後に風乾した。得られたDNAは、溶液〔組成；10 mM トリス緩衝液(pH 7.5)、1 mM EDTA・2 Na〕5 mlを添加して4°Cで一晩静置した後、実験に供した。

【0027】(B) ジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を含む組換えプラスミドの創製および選抜

前記(A)項で得られたプレビバクテリウム・フラバムMJ-233の全DNA溶液90 μlを、1 unitの制限酵素Sau3AIと37°Cで15分間反応させて部分分解した。該分解物及びカナマイシン耐性遺伝子を有するクローニングベクターpHSG298(宝酒造製)の制限酵素SalI分解物の5'突出末端の内側の2 bpを相補的なデオキシヌクレオチドでうめた。得られたそれぞれのDNA分解物溶液を65°Cで10分間加熱して制限酵素を失活させた後に混合し、該液に、それぞれの最終濃度が5.0 mM トリス緩衝液(pH 7.6)、1.0 mM チオスレイトール、1 mM ATP、1.0 mM MgCl₂、およびT4 DNAリガーゼ1 unitとなるように各成分を添加し、4°Cで15時間反応させて、DNAを結合させた。

【0028】上記手順により得られたプラスミド混液を用い、塩化カルシウム法[J. Mol. Biol., 53, 159 (1970)]により前記ジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼ欠損大腸菌変異株、エシエリヒア・コリ(Escherichia coli)CGSG4345(lys A)〔()内はジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼ遺伝子型を示す〕を形質転換した。形質転換した前記エシエリヒア・コリCGSG4345(lys A)株を、カナマイシン5.0 mgを含有する選択培地〔組成；K₂HPO₄ 7 g, KH₂PO₄ 2 g, (NH₄)₂SO₄ 1 g, MgSO₄ · 7H₂O 0.1 g, グルコース 2.0 gおよび寒天1.6 gを蒸留水11に溶解する〕に塗抹した。この培地上に生育したジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を含むプラスミドを保持する菌株を、常法により液体培養して培養液よりプラスミドDNAを抽出した。抽出したプラスミドを制限酵素により分解し、得られた分解物をアガロースゲル電気泳動に供した結果、プラスミドpHSG298の大きさ2.7 kbのDNA断片に加え、大きさ約1.5 kbの挿入DNA断片が認められた。本発明者らは、このプラスミドを“プラスミドpH

SG298-lys A”と命名した。

【0029】(C) ジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を含むDNA断片(A断片)のサブクローニング

前記(B)で得られたプラスミドpHSG298-lys Aに含まれる挿入DNA断片を下記手順にてプラスミドpUC118(宝酒造製)にサブクローニングした。前記プラスミドpHSG298-lys Aを制限酵素BamH Iおよび制限酵素HindIIIと反応させて得られる分解物と、プラスミドpUC118を制限酵素BamH Iおよび制限酵素HindIIIと反応させて得られる分解物とを混合した。この混合液を65°Cで10分間加熱して酵素を失活させた後に、それぞれの最終濃度が5.0 mM トリス緩衝液(pH 7.6)、1.0 mM チオスレイトール、1 mM ATP、1.0 mM MgCl₂、およびT4 DNAリガーゼ1 unitとなるように各成分を添加し、12°Cで15時間反応させて、DNA分解物を結合させた。

【0030】得られたプラスミド混液を用いて、塩化カルシウム法(J. Mol. Biol., 53, 159, 1970)により前記エシエリヒア・コリCGSG4345株を形質転換し、カナマイシンを5.0 mg含有する選択培地〔組成；K₂HPO₄ 7 g, KH₂PO₄ 2 g, (NH₄)₂SO₄ 1 g, MgSO₄ · 7H₂O 0.1 g, グルコース 2.0 gおよび寒天1.6 gを蒸留水に溶解して11とする〕に塗抹した。この培地上に生育した菌株を常法により液体培養し、該培養液から常法によりプラスミドDNAを抽出した。抽出したプラスミドを制限酵素により分解し、得られた分解物をアガロースゲル電気泳動に供した結果、プラスミドpUC118の大きさ約3.2 kbのDNA断片に加え、大きさ約1.5 kbの挿入DNA断片が認められた。確認された大きさ約1.5 kbの挿入DNA断片を各種の制限酵素で切断したときの制限酵素認識部位数および切断断片の大きさは前記表1に示したと同一であった。このDNA断片の制限酵素切断点地図を図1に示す。また、上記手法により得られたプラスミドを各種制限酵素で切断したときの制限酵素認識部位数および切断断片の大きさを下記表2に示す。

【0031】

【表2】

表 2

プラスミドpUC118-lysA

制限酵素	認識部位数	切断断片の大きさ (kb)
<u>Acc</u> I	3	0.9, 3.8
<u>Sac</u> I	2	1.3, 3.4
<u>Pvu</u> II	3	0.6, 0.9, 3.2
<u>Sal</u> I	1	4.7

【0032】上記表2に示した制限酵素の切断断片により特徴付けられるプラスミドを、“プラスミドpUC118-lysA”と命名した。以上により、ジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を含む大きさ約1.5 kbのDNA断片(BamH-I-HindIII断片; A断片)を取得した。

【0033】実施例2

ジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子のDNA塩基配列の決定
実施例1 (C) 項で得たジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を含む大きさ約1.5 kbのDNA断片の塩基配列を、プラスミドpUC118またはpUC119を用いるジデオキシヌクレオチド酵素法(dideoxychain termination法)により、図2に示した戦略図に従って決定した。得られた塩基配列中のオープン・リーディング・フレームの存在からジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子は後記配列表の配列番号:1に示す塩基配列を有する445個のアミノ酸をコードする1335塩基対より構成されていることが判明した。

【0034】実施例3

プラスミドpCRY30-lysAの作成およびコリネ型細菌への導入

(A) プラスミドpCRY30-lysAの調製

実施例1 (B) で得られたプラスミドpHSG298-lysA 5 μgを、各々5 unitsの制限酵素BamH-IおよびHindIIIと、37℃で1時間反応させて分解し、そのDNA分解物の末端部位を常法により処理して平滑末端とした。このDNA分解物とBamH-Iリシンカーキ(宝酒造製)1 μgとを混合した。混合液を65℃で10分間加熱して酵素を失活させた後に、それぞれの最終濃度が50 mMトリス緩衝液(pH7.6)、10 mMジチオスレイトール、1 mM ATP、10 mM MgCl₂、およびT4 DNAリガーゼ1 unitとなるように各成分を添加し、12℃で15時間反応させて、結合させた。

【0035】得られた連結DNAを制限酵素BamH-I 3 unitsと37℃で1時間反応させて得られたDNA分解物と、特開平3-210184号公報に記載の方法に基いて調製したプラスミドpCRY30 1 μgを制限酵素B

mH-I 1 unitと37℃で1時間反応させて得られたDNA分解物とを混合し、この混合液を65℃で10分間加熱して酵素を失活させた後に、それぞれの最終濃度が50 mMトリス緩衝液(pH7.6)、10 mMジチオスレイトール、1 mM ATP、10 mM MgCl₂、およびT4 DNAリガーゼ1 unitとなるように各成分を添加し、12℃で15時間反応させて、DNA分解物を結合させた。得られたプラスミド混液を用いて、前記実施例1 (B) に記載の方法により、前記エシエリヒア・コリCGSG4345株を形質転換し、カナマイシンを50 μg/mlの濃度で含有する選択培地【組成: K₂HPO₄ 7 g、KH₂PO₄ 2 g、(NH₄)₂SO₄ 1 g、MgSO₄·7H₂O 0.1 g、グルコース20 gおよび寒天16 gを蒸留水に溶解して1 lとする】に塗抹した。この培地上に生育した菌株を常法により液体培養し、該培養液から常法によりプラスミドDNAを抽出した。抽出したプラスミドを制限酵素により分解し、得られた分解物をアガロースゲル電気泳動に供した結果、プラスミドpCRY30の大きさ約8.6 kbのDNA断片に加え、大きさ約1.5 kbの挿入DNA断片が認められた。

【0036】(B) プラスミドpCRY30-lysAのコリネ型細菌への導入

上記の如く調整されたプラスミドDNAを、電気パルス法を用いて次のとおりコリネ型細菌へ形質転換した。ブレビパクテリウム・フタバムMJ-233 (FERM BP-1497) プラスミド除去株を100 mlの前記A培地で対数増殖期初期まで培養した後、ペニシリンGを1 unit/mlとなるように添加してさらに2時間振盪培養した。培養菌体を遠心分離にて集め、20 mlのパルス用溶液【組成: 272 mM シューカロース、7 mM KH₂PO₄、1 mM MgCl₂; pH7.4】にて洗浄した。再度、遠心分離にて菌体を集め、5 mlのパルス用溶液に懸濁し、0.75 mlの細胞と前記(A)で得られたプラスミド溶液50 μlとを混合し、氷中にて20分間静置した。ジーンパルサー(バイオラド社製)を用いて、2500ボルト、25 μFに設定し、パルスを印加後氷中に20分間静置した。全量を3 mlの前記A培地に移し、30℃にて1時間培養後、カナマイシン15 μg/ml(最終濃度)を含む前記A寒天培地に植菌して3

0°Cで2~3日間培養した。出現したカナマイシン耐性株より、常法によりプラスミドを得た。このプラスミドを各種制限酵素で切断し、得られた切断断片の大きさを

測定した。その結果を下記表3に示す。

【0037】

【表3】

表 3

プラスミドpCRY30-1ysA

制限酵素	認識部位数	切断断片の大きさ(kb)
<u>Bam</u> H I	2	1.5, 8.6
<u>Eco</u> R I	1	10.1
<u>Kpn</u> I	1	10.1
<u>Sac</u> I	2	2.0, 8.1
<u>Xba</u> I	1	10.1
<u>Xho</u> I	1	10.1

【0038】上記表3に示した制限酵素の切断断片により特徴付けられるプラスミドを、“プラスミドpCRY30-1ysA”、該プラスミドを保持する菌株を“プレビパクテリウム・フラバムMJ233-1ysA”とそれぞれ命名した。上記表3から明らかな如く、前記プラスミドpCRY30-1ysAを制限酵素BamH Iで切断することにより、プラスミドpHSG298に由来する大きさ8.6kbのDNA断片に加えて、ジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を含む大きさ約1.5kbのDNA断片が確認された。なお、複合プラスミドpCRY30-1ysAにより形質転換されたプレビパクテリウム・フラバムMJ233-1ysAは、茨城県つくば市東1丁目1番3号の工業技術院生命工学工業技術研究所に、平成5年8月6日付けで受託番号：FERM P-13789として寄託されている。

【0039】実施例4

プラスミドpCRY30-1ysAの安定性の確認
前記A培地100mlを500ml容三角フラスコに分注し、120°Cで15分間滅菌処理した後、この培地に実施例3で得たプレビパクテリウム・フラバムMJ233-1ysAを植菌し、30°Cで24時間の振盪培養を行った。次いで、同様にしてA培地100mlを500ml容三角フラスコに分注して120°Cで15分間滅菌した培地に、培地1ml当たり50細胞の密度で植継し、再度30°Cで24時間の振盪培養を行った。培養物を遠心分離して菌体を回収し、回収した菌体を洗浄した。得られた菌体を、カナマイシンを15μg/mlの濃度で添加した平板A培地およびカナマイシン無添加の平板A培地に一定量塗抹し、30°Cで1日培養した後に、生育したコロニーの数を計測した。また、カナマイシン無添加のA培地上に生育したコロニーの菌株については、カナマイシン添加A培地上での生育の可否も調査した。その結果、カナマイシン添加A培地および無添加A培地における生育コロニー数は同数であり、さらにカナマイシン無添加A培地上に生育したコロニーの菌株は全

てカナマイシン添加A培地上に生育可能であった。これにより、本発明のプラスミドpCRY30-1ysAが高度の安定性を有することが確認された。

【0040】実施例5

ジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼの酵素活性測定
(A) ジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼ活性測定用粗酵素液の調製

培地【組成：尿素0.4%、硫酸アンモニウム1.4%、リン酸一カリウム0.05%、リン酸二カリウム0.05%、MgSO₄·7H₂O 0.05%、CaCl₂·2H₂O 2ppm、FeSO₄·7H₂O 2ppm、MnSO₄·4~6H₂O 2ppm、ZnSO₄·7H₂O 2ppm、NaCl 2ppm、ビオチン 200-2000μg/l、塩酸チアミン 100μg/l、カザミノ酸0.1%、酵母エキス0.1%を蒸留水に溶解する】100mlを500ml容三角フラスコに分注して滅菌（滅菌後pH7.0）した後、プレビパクテリウム・フラバムMJ233-1ysAを植菌した。次いで、5g/l（最終濃度）のグルコースを無菌的に添加し、30°Cで2日間振盪培養を行った。次に、本培養培地【組成：グルコース5%g、硫酸アンモニウム2.3%、リン酸一カリウム0.05%、リン酸二カリウム0.05%、MgSO₄·7H₂O 0.05%、FeSO₄·7H₂O 20ppm、MnSO₄·4~6H₂O 20ppm、ビオチン 200μg/l、塩酸チアミン 100μg/l、カザミノ酸0.3%、酵母エキス0.3%を蒸留水に溶解する】1000mlを21容通気搅拌槽に仕込み、120°Cで20分間滅菌した後、この槽に前記振盪培養により得られた培養物20mlを添加し、回転数1000rpm、通気量1vvm、温度33°C、培地のpH7.6の培養条件下で24時間培養を行った。培養終了後、培養物500mlを遠心分離にかけて培養菌体を回収した。得られた菌体を脱塩蒸留水にて2回洗浄した後、該菌体を0.1Mリン酸緩衝液(pH6.8) 3~5mlに懸濁し、これを超音波処理（3分間単位で3回、処

理温度-10°C)して菌体を破碎した。菌体を破碎した後、破碎液を4°Cで20分間、6,000 rpmの遠心分離に供し、その上澄液分を分取した。得られた上澄液、即ち菌体抽出液を粗酵素液としてジアミノピメリジン酸デカルボキシラーゼ活性の測定に供した。

【0041】(B) ジアミノピメリジン酸デカルボキシラーゼの酵素活性測定

リン酸カリウム緩衝液(pH 7.6)に上記(A)で得た粗酵素液を10容量%の割合で、基質であるジアミノピメリジン酸を1 mg/mlの濃度で、それぞれ添加してジアミノピメリジン酸デカルボキシラーゼ活性測定用反応液(pH 7.6)とした。この反応液を33°Cで3時間反応させた後で液体クロマトグラフィーに供し、生成したL-リジンの量を測定した。測定の結果、反応液におけるL-リジン生成量は1.5 nmol/min/mgであった。また、ブレビバクテリウム・フラバムMJ-233(FERM BP-1497)を上記(A)と同一条件にて培養して粗酵素液を調製し、その粗酵素液を上記と同一条件にて基質と反応させて、生成したL-リジンの量を測定した。測定の結果、L-リジンの生成量は7 nmol/min/mgであつ

た。以上の結果から、本発明によるジアミノピメリジン酸デカルボキシラーゼをコードするコリネ型細菌に由来する遺伝子を含むDNA断片が導入されたプラスミドにより形質転換されたコリネ型細菌は、従来に比べて効率的にL-リジンを生産し得ることが認められた。

【0042】

【配列】

配列番号: 1

配列の長さ: 1335

配列の型: 核酸

鎖の数: 二本鎖

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: 染色体 DNA

起源

生物名: ブレビバクテリウム フラバム

株名: MJ-233

配列の特徴

特徴を表す記号: CDS

存在位置: 1-1335

特徴を決定した方法: E

配列

ATG	GCT	ACA	GTT	GAA	AAT	TTC	AAT	GAA	CTT	CCC	GCA	CAC	GTG	TGG	CCC	48
Met	Ala	Thr	Val	Glu	Asn	Phe	Asn	Glu	Leu	Pro	Ala	His	Val	Trp	Pro	
1	5	10	15													
CGC	AAT	GCC	GTG	CGC	CAA	GAA	GAC	GGC	GTT	GTC	ACC	GTC	GCT	GGT	GTG	96
Arg	Asn	Ala	Val	Arg	Gln	Glu	Asp	Gly	Val	Val	Thr	Val	Ala	Gly	Val	
20	25	30														
CCT	CTG	CCT	GAC	CTC	GCT	GAA	TAC	CGA	ACC	CCA	CTG	TTC	GTA	GTC	—144—	
Pro	Leu	Pro	Asp	Leu	Ala	Glu	Glu	Tyr	Gly	Thr	Pro	Leu	Phe	Val	Val	
35	40	45														
GAC	GAG	GAC	GAT	TTC	CGT	TCC	CGC	TGT	CGC	GAC	ATG	GCT	ACC	GCA	TTC	192
Asp	Glu	Asp	Asp	Phe	Arg	Ser	Arg	Cys	Arg	Asp	Met	Ala	Thr	Ala	Phe	
50	55	60														
GGT	CGA	CCA	GGC	AAT	GTG	CAC	TAC	GCA	TCC	AAA	CGG	TTC	CTG	ACC	AAG	240
Gly	Gly	Pro	Gly	Asn	Val	His	Tyr	Ala	Ser	Lys	Ala	Phe	Leu	Thr	Lys	
65	70	75	80													
ACC	ATT	GCA	CGT	TGG	GTT	GAT	GAA	GAG	GGG	CTG	GCA	CTG	GAC	ATT	GCG	288
Thr	Ile	Ala	Arg	Trp	Val	Asp	Glu	Gly	Leu	Ala	Leu	Asp	Ile	Ala		
85	90	95														
TCC	ATC	AAT	GAA	CTG	GGC	ATT	GCC	CTG	GCT	GCT	GGT	TTC	CCC	GCC	AGC	336
Ser	Ile	Asn	Glu	Leu	Gly	Ile	Ala	Leu	Ala	Ala	Gly	Phe	Pro	Ala	Ser	
100	105	110														
CGT	ATC	ACC	GCG	CAC	GGC	AAC	AAC	AAG	GGC	GTG	GAC	TTC	CTC	CGC	GCG	384
Arg	Ile	Thr	Ala	His	Gly	Asn	Asn	Lys	Gly	Val	Asp	Phe	Leu	Arg	Ala	
115	120	125														
TTG	GTT	CAA	AAC	GGT	GTG	GGA	CAC	GTG	GTG	CTG	GAC	TCC	GCA	CAG	GAA	432
Leu	Val	Gln	Asn	Gly	Val	Gly	His	Val	Val	Leu	Asp	Ser	Ala	Gln	Glu	
130	135	140														
CTA	GAA	CTG	TTG	GAT	TAC	GTT	GCC	GCT	GGT	GAA	GGC	AAG	ATC	CAG	GAC	480
Leu	Glu	Leu	Leu	Asp	Tyr	Val	Ala	Ala	Gly	Glu	Gly	Lys	Ile	Gln	Asp	

145	150	155	160
GTG TTG ATC CGC GTA AAG CCA CGC ATC GAA GCA CAC ACC CAC GAG TTC 528			
Val Leu Ile Arg Val Lys Pro Gly Ile Glu Ala His Thr His Glu Phe			
165	170	175	
ATC GCC ACT AGC CAC GAA GAC CAG AAG TTC GGA TTC TCC CTG GCA TCC 576			
Ile Ala Thr Ser His Glu Asp Gln Lys Phe Gly Phe Ser Leu Ala Ser			
180	185	190	
GGT TCC GCA TTC GAA GCA GCA AAA GCC GCC AAC AAC GCA GAA AAC CTG 624			
Gly Ser Ala Phe Glu Ala Ala Lys Ala Ala Asn Asn Ala Glu Asn Leu			
195	200	205	
AAC CTG GTT GGC CTG CAC TGC CAC GTT GGT TCC CAG GTG TTC GAC GCC 672			
Asn Leu Val Gly Leu His Cys His Val Gly Ser Gln Val Leu Phe Asn Ala			
210	215	220	
GAA GGC TTC AAG CTG GCA GCA GAA CGC GTG TTG GGC CTG TAC TCA CAG 720			
Glu Gly Phe Lys Leu Ala Ala Glu Arg Val Leu Gly Leu Tyr Ser Gln			
225	230	235	240
ATC CAC AGC GAA CTG GGC GTT GCC CTT CCT GAA CTG GAT CTC GGT GGC 768			
Ile His Ser Glu Leu Gly Val Ala Leu Pro Glu Leu Asp Leu Gly Gly			
245	250	255	
GGA TAC GGC ATT GCC TAT ACC GCA GCT GAA GAA CCA CTC AAC GTC GCA 816			
Gly Tyr Gly Ile Ala Tyr Thr Ala Ala Glu Glu Pro Leu Asn Val Ala			
260	265	270	
GAA GTT GCC TCC GAC CTG CTC ACC GCA GTC GGA AAA ATG GCA GCG GAA 864			
Glu Val Ala Ser Asp Leu Leu Thr Ala Val Gly Lys Met Ala Ala Glu			
275	280	285	
CTA GGC ATC GAC GCA CCA ACC GTG CTT GTT GAG CCC GGC CGC GCT ATC 912			
Leu Gly Ile Asp Ala Pro Thr Val Leu Val Glu Pro Gly Arg Ala Ile			
290	295	300	
GCA GGC CCC TCC ACC GTG ACC ATC TAC GAA GTC GGC ACC ACC AAA GAC 960			
Ala Gly Pro Ser Thr Val Thr Ile Tyr Glu Val Gly Thr Thr Lys Asp			
305	310	315	320
GTC CAC GTA GAC GAC GAC AAA ACC CCC CGT TAC ATC GCC GTG GAC GGA 1008			
Val His Val Asp Asp Asp Lys Thr Arg Arg Tyr Ile Ala Val Asp Gly			
325	330	335	
GCC ATG TCC GAC AAC ATC CGC CCA GCA CTC TAC GGC TCC GAA TAC GAC 1056			
Gly Met Ser Asp Asn Ile Arg Pro Ala Leu Tyr Gly Ser Glu Tyr Asp			
340	345	350	
GCC CGC GTA GTA TCC CGC TTC GTC GAA CGA GAA CCA GTA AAC ACC CGC 1104			
Ala Arg Val Val Ser Arg Phe Val Glu Gly Glu Pro Val Asn Thr Arg			
355	360	365	
ATC GTG GGC TCC CAC TGC GAA TCC CGC GAT ATC CTG ATC AAC GAT GAA 1152			
Ile Val Gly Ser His Cys Glu Ser Gly Asp Ile Leu Ile Asn Asp Glu			
370	375	380	
ATC TAC CCA TCT GAC ATC ACC AGC CGC GAC TTC CTT GCA CTC GCA GCC 1200			
Ile Tyr Pro Ser Asp Ile Thr Ser Gly Asp Phe Leu Ala Leu Ala Ala			
385	390	395	400
ACC CGC GCA TAC TGC TAC GCC ATG AGC TCC CGC TAC AAC GCA TTC ACA 1248			
Thr Gly Ala Tyr Cys Tyr Ala Met Ser Ser Arg Tyr Asn Ala Phe Thr			
405	410	415	
CGG CCC GCC GTC GTG TCC GTC CGC GCT GGC AGC TCC CGC CTC ATG CTG 1296			

Arg Pro Ala Val Val Ser Val Arg Ala Gly Ser Ser Arg Leu Met Leu
 420 425 430
 CGA CGC GAA ACG CTC GAC GAC ATC CTC TCA TTA GAG GCA 1335
 Arg Arg Glu Thr Leu Asp Asp Ile Leu Ser Leu Glu Ala
 435 440 445

【図面の簡単な説明】

【図1】本発明のジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を含む大きさ約1.5 kbのDNA断片の塩基配列決定のための戦略図である。

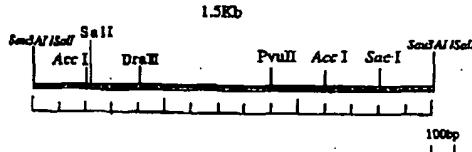
【図2】本発明のジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を含む大きさ約1.5 kbのDNA断片の制限酵素による切断点地図である。

【図3】本発明のジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子を含む大きさ約1.5 kbのDNA

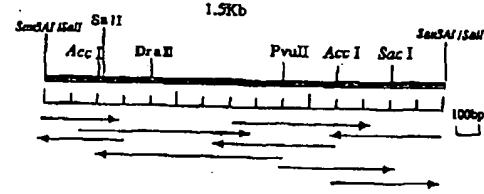
をコードする遺伝子を含む大きさ約1.5 kbのDNA
A断片の塩基配列決定のための戦略図である。

【図3】本発明のプラスミドpCRY30-lysAの
制限酵素による切断点地図である。

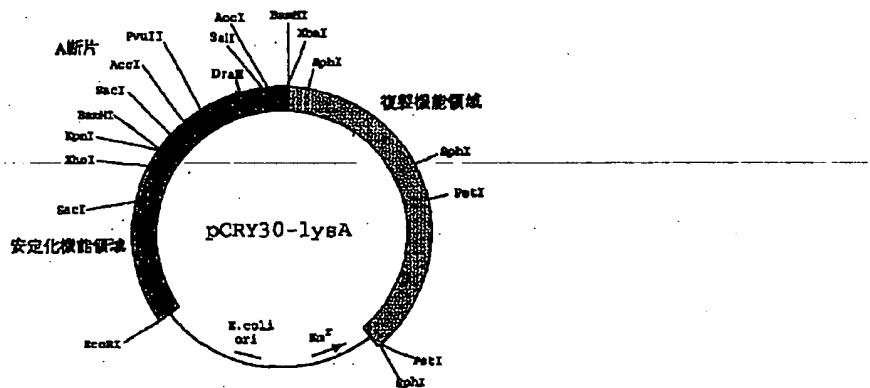
【図1】



【図2】



【図3】



フロントページの続き

(51) Int. Cl. 6 識別記号 庁内整理番号 F I 技術表示箇所
 C 1 2 R 1:13)
 (C 1 2 N 1/21
 C 1 2 R 1:15)

C 1 2 R 1:13)